



ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF
Corvalan et al.
Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 23

Figure 23A

Section 1					
	(1)	1	10	20	30 40 51
CUR2-1.6.1_HC	(1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLTCAASGNERF YNNMNVROAPGKGLEWVSSI			
VH3-21	(1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLTCAASGETES YSMNVROAPGKGLEWVSSI			
Consensus	(1)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLTCAASGF F SY MNWVRQAPGKGLEWVSSI			
Section 2					
	(52)	52	60	70	80 90 102
CUR2-1.6.1_HC	(52)	SSSSSNILYADSVKGRFTISRDNARNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIMI			
VH3-21	(52)	SSSSSNILYADSVKGRFTISRDNARNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR----			
Consensus	(52)	SSSSS IYYADSVKGRFTISRDNARNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR			
Section 3					
	(103)	103	110	126	
CUR2-1.6.1_HC	(103)	TFGGIIASFPDYWGQGTLVTVSS			SEQ ID NO:13
VH3-21	(99)	-----			SEQ ID NO:3
Consensus	(103)				

Figure 23B

Section 1					
	(1)	1	10	20	30 40 51
CUR2-1.6.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGW QOKPGKAPKRLIYAA			
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGW QOKPGKAPKRLIYAA			
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWFQOKPGKAPKRLIYAA			
Section 2					
	(52)	52	60	70	80 90 102
CUR2-1.6.1_LC	(52)	SSISQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYELTPGGGT			
A30	(52)	SSISQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP-----			
Consensus	(52)	SSISQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP			
Section 3					
	(103)	103	107		
CUR2-1.6.1_LC	(103)	KVEIK		SEQ ID NO:14	
A30	(96)	-----		SEQ ID NO:11	
Consensus	(103)				

FIGURE 24

Figure 24A

		Section 1					
		(1)	10	20	30	40	51
Cur2-1.11.1 HC	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVS					
VH3-53	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVS					
Consensus	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVS					
		Section 2					
		(52)	60	70	80	90	102
Cur2-1.11.1 HC	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCAGTVTTN					
VH3-53	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCAR					
Consensus	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCA					
		Section 3					
		(103)	103	110	120		
Cur2-1.11.1 HC	(103)	YYGMDVWGQGTITVTVSS				SEQ ID NO:15	
VH3-53	(98)	-----				SEQ ID NO:5	
Consensus	(103)						

Figure 24B

		Section 1					
		(1)	10	20	30	40	51
CUR2-1.11.1 LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLISNGYNIDWYLQKPGQSPQ					
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLISNGYNIDWYLQKPGQSPQ					
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLISNGYNIDWYLQKPGQSPQ					
		Section 2					
		(52)	60	70	80	90	102
CUR2-1.11.1 LC	(52)	LIYLGSNRASGVDRPSGSGSDTPTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQT					
A19	(52)	LIYLGSNRASGVDRPSGSGSDTPTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQT					
Consensus	(52)	LIYLGSNRASGVDRPSGSGSDTPTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQT					
		Section 3					
		(103)	103	111			
CUR2-1.11.1 LC	(103)	GGGTRVEIK				SEQ ID NO:16	
A19	(101)	-----				SEQ ID NO:8	
Consensus	(103)						

FIGURE 25

Figure 25A

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51	
CR2-1.17.1_HC	(1)	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTPSBYGMHWVROAPGKGLEWVAVI						
VH3-33	(1)	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTPSBYGMHWVROAPGKGLEWVAVI						
Consensus	(1)	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTPSBYGMHWVROAPGKGLEWVAVI						
								Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102	
CR2-1.17.1_HC	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYIQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY						
VH3-33	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYIQMNSLRAEDTAVYYCAR----						
Consensus	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYIQMNSLRAEDTAVYYCAR						
								Section 3
	(103)	103	110	126				
CR2-1.17.1_HC	(103)	RYAGYYDYGMDVWGQGTITVTVSS			SEQ ID NO:17			
VH3-33	(99)	-----			SEQ ID NO:4			
Consensus	(103)							

Figure 25B

							Section 1	
	(1)	10	20	30	40	52		
CR2-1.17.1 LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLIYAAS						
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLIYAAS						
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLIYAAS					Section 2	
	(53)	60	70	80	90	104		
CR2-1.17.1 LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISISLQPEDPATYYCLOHNSYPLTFGGGTKV						
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISISLQPEDPATYYCLOHNSY-----						
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISISLQPEDPATYYCLOHNSYP					Section 3	
	(105)	1087						
CR2-1.17.1 LC	(105)	EIK SEQ ID NO:18						
A30	(96)	--- SEQ ID NO:11						
Consensus	(105)							

FIGURE 26

Figure 26A

Section 1					
	(1)	10	20	30	40
CR2-1.18_HC	(1)	OVQLVQSGAEVTKRPGASVKVSC	KASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN		52
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSC	KASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN		
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSC	KASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN		
Section 2					
	(53)	60	70	80	90
CR2-1.18_HC	(53)	PNSGNTGYAQRFGQGRVTMT	RNTSISTAYMELSSLRSED	TAVVYCAE	EGIAVA
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAQRFGQGRVTMT	RNTSISTAYMELSSLRSED	TAVVYCAR	-----
Consensus	(53)	PNSGNTGYAQRFGQGRVTMT	RNTSISTAYMELSSLRSED	TAVVYCAR	
Section 3					
	(105)	105	110	126	
CR2-1.18_HC	(105)	GTYYYYYGMDVWGQGT	TVT	VSS	SEQ ID NO:19
VH1-8	(99)	-----			SEQ ID NO:1
Consensus	(105)				

Figure 26B

Section 1					
	(1)	10	20	30	40
CR2-1.18_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGRV	TITCRASQGI	RNDLGWYQQKPKGAPKRLIYAAS	53
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGRV	TITCRASQGI	RNDLGWYQQKPKGAPKRLIYAAS	
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGRV	TITCRASQGI	RNDLGWYQQKPKGAPKRLIYAAS	
Section 2					
	(54)	60	70	80	90
CR2-1.18_LC	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTEP	TLTISSLOPEDPATY	SLQHN	SYPFTFGPGTKVDI
A30	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTEP	TLTISSLOPEDPATY	SLQHN	SYP-----
Consensus	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTEP	TLTISSLOPEDPATY	FCLQHN	SYP
Section 3					
	(107)	107			
CR2-1.18_LC	(107)	K			SEQ ID NO:20
A30	(96)	-			SEQ ID NO:11
Consensus	(107)				

Corvalan et al.

Appl. No.: 10/041,860 · Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 27

Figure 27A

	(1)	10	20	30	40	52	Section 1
Cur2-1.19.1 hc	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKPVSCRA	SGYTFPTSYDINNWVROATGQGLE	NWGMN			
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKPVSCRA	SGYTFPTSYDINNWVROATGQGLE	NWGMN			
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCRA	SGYTFPTSYDINNWVROATGQGLE	NWGMN			
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
Cur2-1.19.1 hc	(53)	PNSGNTGYAOKPQGRVTMTRNTS	SISTAYMELSSLRSED	TAVVYCARD	VHITP		
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAOKPQGRVTMTRNTS	SISTAYMELSSLRSED	TAVVYCAR	-----		
Consensus	(53)	PNSGNTGYAOKPQGRVTMTRNTS	SISTAYMELSSLRSED	TAVVYCAR			
							Section 3
	(105)	105	110	126			
Cur2-1.19.1 hc	(105)	GGVIVHYGMDVMGQGT	TVTVSS		SEQ ID NO:21		
VH1-8	(99)	-----			SEQ ID NO:1		
Consensus	(105)						

Figure 27B

	(1)	10	20	30	40	52	Section 1
Cur2-1.19.1_ic	(1)	DIOMTQBPSSLSASVGDRTTTCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLTYAAS					
A30	(1)	DIOMTQBPSSLSASVGDRTTTCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLTYAAS					
Consensus	(1)	DIOMTQSPSSLSASVGDRTTTCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLTYAAS					
	(53)	60	70	80	90	104	Section 2
Cur2-1.19.1_ic	(53)	SLQSGVPSRPFSGSGSGTFTLTITSSLOPEDPATYTCLOHNSDPCSFQGQTKL					
A30	(53)	SLQSGVPSRPFSGSGSGTFTLTITSSLOPEDPATYTCLOHNSYF-----					
Consensus	(53)	SLQSGVPSRPFSGSGSGTFTLTITSSLOPEDPATYTCLOHNS P					
	(105)	1097					Section 3
Cur2-1.19.1_ic	(105)	EIR	SEQ ID NO:22				
A30	(96)	---	SEQ ID NO:11				
Consensus	(105)						

FIGURE 28

Figure 28A

Section 1								
	(1)	10	20	30	40	51		
Cur2-1.23.1 HC	(1)	EVQLVQHSGAEVRKPGESLRITSCPGSGYSPFTSYWIGWVRQMPGKGLGWNGIT						
VH5-51	(1)	EVQLVQHSGAEVRKPGESLRITSCPGSGYSPFTSYWIGWVRQMPGKGLGWNGII						
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVRKPGESLRITSCPGSGYSPFTSYWIGWVRQMPGKGLGWNGII						
Section 2								
	(52)	60	70	80	90	102		
Cur2-1.23.1 HC	(52)	YPGDSDFRYSPSPFGQVTTISADKSIISTAYLQWSSIRKASDTAMYYCARHVS						
VH5-51	(52)	YPGDSDFRYSPSPFGQVTTISADKSIISTAYLQWSSIRKASDTAMYYCAR----						
Consensus	(52)	YPGDSDFRYSPSPFGQVTTISADKSIISTAYLQWSSIRKASDTAMYYCAR						
Section 3								
	(103)	110	126					
Cur2-1.23.1 HC	(103)	YYVSGSYYNVPDYWGQGLTVVSS			SEQ ID NO:23			
VH5-51	(99)	-----			SEQ ID NO:6			
Consensus	(103)							

Figure 28B

Section 1								
	(1)	10	20	30	40	51		
Cur2-1.231_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISIRNDLGWYQQIPGKAPKRLIYAA						
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISIRNDLGWYQQIPGKAPKRLIYAA						
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISIRNDLGWYQQIPGKAPKRLIYAA						
Section 2								
	(52)	60	70	80	90	102		
Cur2-1.231_LC	(52)	SSIQGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYEF						
A30	(52)	SSIQGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYEF						
Consensus	(52)	SSIQGVPSRPSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYEF						
Section 3								
	(103)	103	107					
Cur2-1.231_LC	(103)	RVEIK		SEQ ID NO:24				
A30	(96)	-----		SEQ ID NO:11				
Consensus	(103)							

FIGURE 29

Figure 29A

		Section 1				
	(1)	1	10	20	30	40 51
CR2-1.24.1 HC	(1)	OVQLVESGGGVVQPGRLRLSCAASGFPSSYGMHWVROAPGKLEWVADI				
VH3-33	(1)	OVQLVESGGGVVQPGRLRLSCAASGFPSSYGMHWVROAPGKLEWVAVI				
Consensus	(1)	OVQLVESGGGVVQPGRLRLSCAASGFPSSYGMHWVROAPGKLEWVA I				
		Section 2				
	(52)	52	60	70	80	90 102
CR2-1.24.1 HC	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRPTISRDNBKNLTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY				
VH3-33	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRPTISRDNBKNLTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR----				
Consensus	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRPTISRDNBKNLTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR				
		Section 3				
	(103)	103	110	126		
CR2-1.24.1 HC	(103)	SYGYVYYDYGMDVWGQSTTVTVSS				SEQ ID NO:25
VH3-33	(99)	-----				SEQ ID NO:4
Consensus	(103)					

Figure 29B

		Section 1				
	(1)	1	10	20	30	40 52
CR2-1.24.1 LC	(1)	DIQMTQHESEETSA SVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS				
A30	(1)	DIQMTQHESEETSA SVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS				
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRAVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS				
		Section 2				
	(53)	53	60	70	80	90 104
CR2-1.24.1 LC	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTITSSLOPEDPATYTCLOHNSYEWTFPGQGTKV				
A30	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTITSSLOPEDPATYTCLOHNSYP-----				
Consensus	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTITSSLOPEDPATYTCLOHNSYP				
		Section 3				
	(105)	105	107			
CR2-1.24.1 LC	(105)	EIK				SEQ ID NO:26
A30	(96)	---				SEQ ID NO:11
Consensus	(105)					

FIGURE 30

Figure 30A

		Section 1					
		(1)	1	10	20	30	40 51
VH5-51	(1)	EVOLVQSGAEVKKRPGESLKI SCRGSGYSPFTS/WTIGWVRMPGKGLWWMGII					
CR2-1.25.1_HC	(1)	EVOLVQSGAEVKKRPGESLKI SCRGSGYSPFTS/WTIGWVRMPGKGLWWMGII					
Consensus	(1)	EVOLVQSGAEVKKRPGESLKI SCRGSGY P TSYWIGWVRMPGKGLWWMGII					
		Section 2					
		(52)	52	60	70	80	90 102
VH5-51	(52)	YPGDSDDTRYSPSPFGQVTTISADKSISTAYLQWSSSLKASDTAMYYCAR----					
CR2-1.25.1_HC	(52)	YPGDSDDTRYSPSPFGQVTTISADKSISTAYLQWSSSLKASDTAMYYCARHGSY					
Consensus	(52)	YPGDSDDTRYSPSPFGQVTTISADKSISTAYLQWSSSLKASDTAMYYCAR					
		Section 3					
		(103)	103	110	126		
VH5-51	(99)	-----					SEQ ID NO:6
CR2-1.25.1_HC	(103)	YGGSETYYNVFPDYWGQGLVTVSS					SEQ ID NO:27
Consensus	(103)						

Figure 30B

		Section 1					
		(1)	1	10	20	30	40 52
A30	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAA S					
CR2-1.25.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAA S					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAA S					
		Section 2					
		(53)	53	60	70	80	90 104
A30	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTIS SLOPEDFATYYCLOHNSYP-----					
CR2-1.25.1_LC	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTIS SLOPEDFATYYCLOHNSYPFWPTFGQGTKV					
Consensus	(53)	SLQSGVPSRPSGSGSGTEFTLTIS SLOPEDFATYYCLOHNSYP					
		Section 3					
		(105)	1067				
A30	(96)	---					SEQ ID NO:11
CR2-1.25.1_LC	(105)	EIK					SEQ ID NO:28
Consensus	(105)						

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF
 Corvalan et al.
 Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 31

Figure 31A

Section 1					
	(1)	10	20	30	40
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESL	KISKCKGSGYSFTSYWIG	WVROMPGKGLEWMGIY	
CR2-1.29_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESL	KISKCKGSGYSFTSYWIG	WVROMPGKGLEWMGIY	
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKRPGESL	KISKCKGSGYSFTSYWIG	WVROMPGKGLEWMGIY	
Section 2					
	(53)	53	60	70	80
VH5-51	(53)	PGDSSTRYSPPSQGQVTL	EAARSTSTAYLQWSS	SLKASDTAMYYCAR	
CR2-1.29_HC	(53)	PGDSSTRYSPPSQGQVTL	EAARSTSTAYLQWSS	SLKASDTAMYYCAR	
Consensus	(53)	PGDSSTRYSPPSQGQ	TISADKSISTAYLQWSS	SLKASDTAMYYCAR	
Section 3					
	(105)	105	110	129	
VH5-51	(99)	-----	-----	-----	SEQ ID NO:6
CR2-1.29_HC	(105)	TIGGYYYYHGM	DVWGQGT	TVTVSS	SEQ ID NO:29
Consensus	(105)				

Figure 31B

Section 1					
	(1)	10	20	30	40
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPAS	ISCRSSQSLHNSGYN	YLDWYLQKPGQSPQLLI	
CR2-1.29_LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPAS	ISCRSSQSLHNSGYN	YLDWYLQKPGQSPQLLI	
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPAS	ISCRSSQSLHNSGYN	YLDWYLQKPGQSPQLLI	
Section 2					
	(54)	54	60	70	80
A19	(54)	YLGSNRAAGVPRFSGSGSGTD	FTLKISRVEA	DVG	VYYCMQALQSP
CR2-1.29_LC	(54)	YLGSNRAAGVPRFSGSGSGTD	FTLKISRVEA	DVG	VYYCMQALQSP
Consensus	(54)	YLGSNRAAGVPRFSGSGSGTD	FTLKISRVEA	DVG	VYYCMQALQSP
Section 3					
	(107)	107	113		
A19	(101)	-----	-----		SEQ ID NO:8
CR2-1.29_LC	(107)	GTRLEIK			SEQ ID NO:30
Consensus	(107)				

ANTL. DIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THERE
Corvalan et al.
Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENLX.051A

FIGURE 32

Figure 32A

	(1)	10	20	30	40	52	Section 1
VH1-18	(1)	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKV	VSCKASGYTPTSYG	ISWVRQAPGGQGLEWMGWIS			
CR2-1.33_HC	(1)	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKV	VSCKASGYTPTSYG	ISWVRQAPGGQGLEWMGWIS			
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKV	VSCKASGYTPTSYG	ISWVRQAPGGQGLEWMGWIS			
	(53)	53	60	70	80	90	Section 2
VH1-18	(53)	AYNGNTNYAQKLGQGRVTMT	TDSTSTAYMELRSLRSDDTAV	YYCAR-----			104
CR2-1.33_HC	(53)	AYNGNTNYAQKLGQGRVTMT	TDSTSTAYMELRSLRSDDTAV	YYCARDDHYYS			
Consensus	(53)	AYNGNTNYAQKLGQGRVTMT	TDSTSTAYMELRSLRSDDTAV	YYCAR			
	(105)	105	110	127			Section 3
VH1-18	(99)	SDYLYYYYGLDVGQGTTVT	VSS				
CR2-1.33_HC	(105)	SDYLYYYYGLDVGQGTTVT	VSS				
Consensus	(105)	SDYLYYYYGLDVGQGTTVT	VSS				

Figure 32B

Section 1						
	(1)	10	20	30	40	53
A20	(1)	DIQMTQSPRSLBASVGDRTVITCRASGGISNYLAWYQQRPGKVPKLLIYAAS				
CR2-1.33_LC	(1)	DIQMTQSPRSLBASVGDRTVITCRASGGISNYLAWYQQRPGKVPKLLIYAAS				
Consensus	(1)	DIQMTQSPRSLBASVGDRTVITCRASGGISNYLAWYQQRPGKVPKLLIYAAS				
Section 2						
	(54)	60	70	80	90	106
A20	(54)	LQSGVPSRPSGSGSGDTFTLTISSTLOPEDVATYYCQRYNSAP				
CR2-1.33_LC	(54)	LQSGVPSRPSGSGSGDTFTLTISSTLOPEDVATYYCQRYNSAP				
Consensus	(54)	LQSGVPSRPSGSGSGDTFTLTISSTLOPEDVATYYCQRYNSAP				
Section 3						
	(107)					
A20	(96)	SEQ ID NO:9				
CR2-1.33_LC	(107)	SEQ ID NO:32				
Consensus	(107)					

FIGURE 33

Figure 33A

		Section 1					
		(1)	1	10	20	30	40 51
VH3-33	(1)	QVQLVESGSGGVVQPGRLRLSCAASGPTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAIT					
CR2-1.38.1_HC	(1)	QVQLVESGSGGVVQPGRLRLSCAASGPTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAIT					
Consensus	(1)	QVQLVESGSGGVVQPGRLRLSCAASGPTFSSYGMHWVROAPGKGLEWVAIT					
		Section 2					
		(52)	52	60	70	80	90 102
VH3-33	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR----					
CR2-1.38.1_HC	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGYYY					
Consensus	(52)	WYDG KYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR					
		Section 3					
		(103)	103	110	127		
VH3-33	(99)	-----			SEQ ID NO:4		
CR2-1.38.1_HC	(103)	DSSDYLYYYGMDVWGQGTTVTVSS			SEQ ID NO:33		
Consensus	(103)						

Figure 33B

		Section 1					
		(1)	1	10	20	30	40 52
A20	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQRPGKVPKLLIYAAS					
CR2-1.38.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQRPGKVENLLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQRPGKVP LLIYAAS					
		Section 2					
		(53)	53	60	70	80	90 104
A20	(53)	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAATYCCOKYNSAP-----					
CR2-1.38.1_LC	(53)	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVAATYCCOKCNSAEWTFQGQTTV					
Consensus	(53)	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVA YYCOK NSAP					
		Section 3					
		(105)	105	107			
A20	(96)	---			SEQ ID NO:9		
CR2-1.38.1_LC	(105)	EIK			SEQ ID NO:34		
Consensus	(105)						

FIGURE 34

Figure 34A

Section 1					
	(1)	10	20	30	40 51
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVRRKPGGBLRISCKGSGYSPTSYWIGWVRQMPGKGLDWMGII			
CR2-1.39.1_HC	(1)	EVQLVQSGTEVRKPGESLRISCKGSGYRPTSYWIGWVRQMPGKGLDWMGII			
Consensus	(1)	EVQLVQSG EVRRKPGESLRISCKGSGY P TSYWIGWVRQMPGKGLDWMGII			
Section 2					
	(52)	60	70	80	90 102
VH5-51	(52)	YPGDSPTRYSPSPQGVTTISADKSIISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----			
CR2-1.39.1_HC	(52)	YPGDSPTRYSPSPQGVTTISADKSIISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSY			
Consensus	(52)	YPGDSPTRYSPSPQGVTTISADKSIISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR			
Section 3					
	(103)	103	110	126	
VH5-51	(99)	-----			SEQ ID NO:6
CR2-1.39.1_HC	(103)	YYNSGSSYNNVFDYWGQGLTVVSS			SEQ ID NO:35
Consensus	(103)				

Figure 34B

Section 1					
	(1)	10	20	30	40 52
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS			
CR2-1.39.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS			
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQOKPGKAPKRLIYAAS			
Section 2					
	(53)	53	60	70	80 90 104
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLOHNSYP-----			
CR2-1.39.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLOHNSYEWTFGQGTKV			
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDPATYYCLOHNSYP			
Section 3					
	(105)	105			
A30	(96)	---	SEQ ID NO:11		
CR2-1.39.1_LC	(105)	EIK	SEQ ID NO:36		
Consensus	(105)				

AN. JUDIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THER'
Corvalan et al.
Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 35

Figure 35A

Section 1						
	(1)	10	20	30	40	52
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKRPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVROATGQGLEWMGWMN				
CR2-1.45_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKRPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVROATGQGLEWMGWMN				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKRPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVROATGQGLEWMGWMN				
Section 2						
	(53)	60	70	80	90	104
VH1-8	(53)	PNSGNTGYACKPQGRVTMTNRTSISTAYMELSSLRSEDATVYYCAR-----				
CR2-1.45_HC	(53)	PNSGNTGYACKPQGRVTMTNRTSISTAYMELSSLRSEDATVYYCARGSGYSY				
Consensus	(53)	PNSGNTGYACKPQGRVTMTNRTSISTAYMELSSLRSEDATVYYCAR				
Section 3						
	(105)	105	110	125		
VH1-8	(99)	-----				SEQ ID NO:1
CR2-1.45_HC	(105)	GYDYYYGMDVWGQGTTVTVSS				SEQ ID NO:38
Consensus	(105)					

Figure 35B

							Section 1
		1	10	20	30	40	53
A20	(1)	DIOMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
CR2-1.45_LC	(1)	DIOMTQSPSSLSASVGDRTINCRASQGISNDLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
Consensus	(1)	DIOMTQSPSSLSASVGDRTI CRASQGISN LAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
							Section 2
		54	60	70	80	90	106
A20	(54)	DQSGVPSRPSGSGSGTDFTLTISSTOPPEDVATYYCQKYNAP					
CR2-1.45_LC	(54)	DQSGVPSRPSGSGSGTDFTLTISSTOPPEDVATYYCQKYNAPFTFGPGTKVDI					
Consensus	(54)	LQ GVPSPRPSGSGSGTDFTLTISSTOPPEDVATYYCQKYNAP					
							Section 3
	(107)	107					
A20	(95)	-					
CR2-1.45_LC	(107)	K					
Consensus	(107)						

FIGURE 36

Figure 36A

		Section 1					
		(1)	10	20	30	40	51
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM					
CR2-1.46.1_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM					
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM					
		Section 2					
		(52)	60	70	80	90	102
VH1-8	(52)	NPNSGNTGYAOKFQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR					
CR2-1.46.1_HC	(52)	NPNSGNTGYAOKFQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR					
Consensus	(52)	NPN GNTGYAOKFQGRVTMTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR					
		Section 3					
		(103)	103	110	126		
VH1-8	(99)	VVTATDYYYGMDVWGQGT			TVTVSS	SEQ ID NO:1	
CR2-1.46.1_HC	(103)	VVTATDYYYGMDVWGQGT			TVTVSS	SEQ ID NO:40	
Consensus	(103)						

Figure 36B

		Section 1					
		(1)	10	20	30	40	52
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLTAAAS					
CR2-1.46.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLTAAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIKNDLGWYQKPKGKAPKRLTAAAS					
		Section 2					
		(53)	60	70	80	90	104
A30	(53)	SLSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP					
CR2-1.46.1_LC	(53)	SLSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYP					
Consensus	(53)	SL SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOH YP					
		Section 3					
		(105)	105	107			
A30	(96)	EIK			SEQ ID NO:11		
CR2-1.46.1_LC	(105)	EIK			SEQ ID NO:41		
Consensus	(105)						

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF
 Corvalan et al.
 Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 37

Figure 37A

Section 1					
	(1)	10	20	30	40
CR2-1.48.1 HC	(1)	OVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVROAPGGGLEWMGWI			51
VH1-18	(1)	OVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVROAPGGGLEWMGWI			
Consensus	(1)	OVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVROAPGGGLEWMGWI			
Section 2					
	(52)	60	70	80	90
CR2-1.48.1 HC	(52)	SAYNGNTNYAQKLGGRVTMTTDTSTSTAYMEERSLRSDDTAVYYCARDVEY			102
VH1-18	(52)	SAYNGNTNYAQKLGGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR----			
Consensus	(52)	SAYNGNTNYAQKLGGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR			
Section 3					
	(103)	103	110	125	
CR2-1.48.1 HC	(103)	YYDGSGLYYFDYWGQGLVTVSS			SEQ ID NO:42
VH1-18	(99)	-----			SEQ ID NO:2
Consensus	(103)				

Figure 37B

Section 1					
	(1)	10	20	30	40
CR2-1.48.1 LC	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISWLAHWYQKPKAPKLLIYAAS			52
L5	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISWLAHWYQKPKAPKLLIYAAS			
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISWLAHWYQKPKAPKLLIYAAS			
Section 2					
	(53)	53	60	70	80
CR2-1.48.1 LC	(53)	ILQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAFYCQQNSFPRTFGQGTKV			90
L5	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAFYCQQNSFP-----			104
Consensus	(53)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAFYCQQNSFP			
Section 3					
	(105)	105	107		
CR2-1.48.1 LC	(105)	EIK			SEQ ID NO:43
L5	(96)	---			SEQ ID NO:7
Consensus	(105)				

FIGURE 38

Figure 38A

Section 1						
	(1)	10	20	30	40 51	
CR2-1.49.1_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCHASGYTPTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM				
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCHASGYTPTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCHASGYTPTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM				
Section 2						
	(52)	60	70	80	90 102	
CR2-1.49.1_HC	(52)	NPNSGDTGYAQRFGGRVTMTPTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCARMRDI				
VH1-8	(52)	NPNSGNTGYAQRFGGRVTMTPTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCAR----				
Consensus	(52)	NPNSG TGYAQRFGGRVTMTPTNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCAR				
Section 3						
	(103)	103	110	127		
CR2-1.49.1_HC	(103)	VATSYYYYFYGMDEVWGQGTTVTVSS			SEQ ID NO:44	
VH1-8	(99)	-----			SEQ ID NO:1	
Consensus	(103)					

Figure 38B

Section 1						
	(1)	10	20	30	40 52	
CR2-1.49.1 LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLHLSNGYNYLDWYLLKPGQSPQLL				
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLHLSNGYNYLDWYLLKPGQSPQTL				
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLHLSNGYNYLDWYLLKPGQSPQLL				
Section 2						
	(53)	53	60	70	80 90 104	
CR2-1.49.1 LC	(53)	IYLGSRASGVNDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCMQDTITFGQ				
A19	(53)	IYLGSRASGVNDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCMQALQTP----				
Consensus	(53)	IYLGSRASGVNDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCMQ LQT				
Section 3						
	(105)	105	111			
CR2-1.49.1 LC	(105)	GTRLEIK		SEQ ID NO:45		
A19	(101)	-----		SEQ ID NO:8		
Consensus	(105)					

ANTIBODIES DIRECTED TO PDGFD AND USES THEREOF
 Corvalan et al.
 Appl. No.: 10/041,860 Atty Docket: ABGENIX.051A

FIGURE 39

Figure 39A

Section 1						
	(1)	10	20	30	40 51	
CR2-1.51.1 HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKRGSGYSPTSYWIGWVRQMPGKGLEWNGII				
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKRGSGYSPTSYWIGWVRQMPGKGLEWNGII				
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKRGSGYSPTSYWIGWVRQMPGKGLEWNGII				
Section 2						
	(52)	60	70	80	90 102	
CR2-1.51.1 HC	(52)	YPGDSDA YSPSPQGQVTTISADKSIISTAYLQWSSLRASDTAMYYCARHYDY				
VH5-51	(52)	YPGDSDT YSPSPQGQVTTISADKSIISTAYLQWSSLRASDTAMYYCAR----				
Consensus	(52)	YPGDSD K YSPSPQGQVTTISADKSIISTAYLQWSSLRASDTAMYYCAR				
Section 3						
	(103)	103	110	126		
CR2-1.51.1 HC	(103)	VWRNYRYTGWFDPWGQGLTVTVSS				SEQ ID NO:46
VH5-51	(99)	-----				SEQ ID NO:6
Consensus	(103)					

Figure 39B

Section 1						
	(1)	10	20	30	40 52	
CR2-1.51.1 LC	(1)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAEQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLITYGA				
A27	(1)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAEQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLITYGA				
Consensus	(1)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRAEQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLITYGA				
Section 2						
	(53)	53	60	70	80 90 104	
CR2-1.51.1 LC	(53)	SNRATGIEDRPSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSLPFGPGTK				
A27	(53)	SNRATGIEDRPSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSP-----				
Consensus	(53)	S R ATGIPDRPSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSS				
Section 3						
	(105)	105	108			
CR2-1.51.1 LC	(105)	VDIK		SEQ ID NO:47		
A27	(97)	----		SEQ ID NO:10		
Consensus	(105)					

FIGURE 40

Figure 40A

									Section 1
	(1)	1	10	20	30	40		52	
Cur2-6.4.1 hc	(1)	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSCKASGYTFSTSYDINWVRQATGGGLENNMGMW							N
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSCKASGYTFSTSYDINWVRQATGGGLENNMGMW							N
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVRKPGASVKVSCKASGYTPTSVDINWVRQATGGGLENNMGMW							N
									Section 2
	(53)	53	60	70	80	90		104	
Cur2-6.4.1 hc	(53)	PNSGNTDYAOKPQGRVTMTTRDTSTSTAYMELSSLRSEDTA							YYCVRGFGYSY
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAOKPQGRVTMTTRNTSTSTAYMELSSLRSEDTA							YYCAR-----
Consensus	(53)	PNSGNT YAOKPQGRVTMTTR TSISTAYMELSSLRSEDTA							YYC R
									Section 3
	(105)	105	110	125					
Cur2-6.4.1 hc	(105)	NYDYVYGMDVWGQGTTVTVSS				SEQ ID NO:48			
VH1-8	(99)	-----				SEQ ID NO:1			
Consensus	(105)								

Figure 40B

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--